



# UNIVERSIDAD DE LA RIOJA

## TRABAJO FIN DE ESTUDIOS

Título

Los estudios paleogenéticos en Prehistoria

Autor/es

JONATHAN ÁLVAREZ ARIAS

Director/es

MIGUEL ÁNGEL FANO MARTÍNEZ

Facultad

Facultad de Letras y de la Educación

Titulación

Grado en Geografía e Historia

Departamento

CIENCIAS HUMANAS

Curso académico

2019-20



***Los estudios paleogenéticos en Prehistoria***, de JONATHAN ÁLVAREZ ARIAS (publicada por la Universidad de La Rioja) se difunde bajo una Licencia Creative Commons Reconocimiento-NoComercial-SinObraDerivada 3.0 Unported. Permisos que vayan más allá de lo cubierto por esta licencia pueden solicitarse a los titulares del copyright.

# TRABAJO FIN DE GRADO

Título

**LOS ESTUDIOS PALEOGENÉTICOS EN PREHISTORIA**

Autor

Jonathan Álvarez Arias

Tutor/es

Miguel Ángel Fano

Grado

Grado en Geografía e Historia [602G]

**Facultad de Letras y de la Educación**

Año académico

2019/20

# ÍNDICE

ÍNDICE .....	2
1. Introducción .....	3
1.1. Exposición de los motivos del trabajo y objetivos .....	3
1.2. Marco espacio-temporal: Desde el Paleolítico inferior al Mesolítico .....	3
2. Linaje Neandertal .....	6
2.1. Introducción al concepto .....	6
2.2. Contexto paleoantropológico y evolutivo de la Prehistoria en Europa. ....	8
3. Estudios genéticos .....	12
3.1. Antecedentes e historiografía .....	12
3.2. Inicio de los estudios genéticos sobre los homínidos .....	15
4. Métodos de estudio .....	17
4.1. Clonación .....	18
4.2 PCR Y Sílice .....	18
4.3. Problemas derivados de la conservación del ADN y sus implicaciones para su estudio .	20
5. Estudio de casos .....	22
5.1 Atapuerca .....	23
5.2. Denisova.....	25
5.3. La Braña .....	27
6. Conclusiones .....	29
Bibliografía .....	34

## **1. Introducción**

### **1.1. Exposición de los motivos del trabajo y objetivos**

Desde los orígenes de la humanidad, es posible que existiera el anhelo de saber cuáles eran nuestros orígenes como seres humanos, el cual se fue acentuando a medida que la humanidad avanzaba hacia el futuro que hoy conforma nuestro presente. Los primeros estudiosos como Darwin o Mendel abrieron el camino para los descubrimientos posteriores que cambiarían el modo en el que concebimos nuestra propia Historia. En un principio las ciencias que se encargaban de esta temática resultaban poco aclaratorias en muchas ocasiones ya que la Arqueología o el estudio antropológico no son cien por cien eficaces a la hora de responder las preguntas que nos planteamos. ¿Cuál es el origen de nuestra especie y el de nuestros antepasados los representantes del género Homo? ¿Qué es lo que nos hace diferentes o iguales a los otros miembros del género Homo? ¿Qué es lo que nos hace humanos?

Estas preguntas han impulsado a los científicos para perfeccionar continuamente las distintas herramientas que intentan dar respuesta a estas y otras muchas preguntas, de este modo se ha llegado a nuestros días donde los estudios se abordan de manera interdisciplinar, mejorando el modo de estudiar la Historia. No es ni será un camino fácil ya que ha habido multitud de errores, problemáticas metodológicas y competencia entre los distintos grupos de investigación.

El objetivo de este trabajo es intentar repasar de forma cronológica siempre y cuando sea posible este largo camino, ya que sin ninguna duda, las nuevas aportaciones que hagan la paleogenética y las ciencias que trabajan junto a ella serán de vital importancia para entender y hacer de otra modo la Historia de nuestro pasado. A su vez permitirá superar antiguos debates que se han mantenido durante muchos años, a la par que generarán nuevas preguntas. Este es el ciclo infinito de la ciencia.

### **1.2. Marco espacio-temporal: Desde el Paleolítico inferior al Mesolítico**

El ser humano desde siempre ha querido comprender cómo ha sido la historia de la Tierra. Con esa intención, en épocas más recientes, los científicos han dividido su larga historia en eras, periodos y épocas para una mayor comprensión de la misma. Con la extinción de los dinosaurios hace aproximadamente 65ma, se pone fin a la era secundaria o Mesozoica y comienza el dominio de los mamíferos sobre la Tierra. A esta etapa geológica los estudiosos la han denominado era terciaria o era Cenozoica, que se subdivide en otras tres escalas que los científicos han denominado periodos, a saber: el periodo Paleógeno abarca aproximadamente desde los 65ma hasta los 23ma, este fue el momento en que los continentes adoptaron un aspecto muy similar al actual y las grandes cadenas montañosas, como los Alpes o el Himalaya, se formaron. El periodo

que sigue es conocido como Neógeno y abarca desde los 23ma hasta aproximadamente los 2,5ma. Simplificando enormemente, diremos que en este momento el clima de la tierra se va asimilando al actual, principalmente porque el istmo de Panamá se formó completamente, lo que provocó la interrupción de las corrientes de agua entre el Atlántico y el Pacífico, de este modo bajó significativamente la temperatura de la tierra provocando la formación de nuevas masas de hielo, sobre todo en el Ártico. El periodo que le sigue se ha denominado periodo Cuaternario, que es donde vamos a centrar nuestra atención, para intentar comprender cómo ha sido la evolución de la especie humana. Este periodo abarca desde hace 2.5ma hasta el presente y podríamos caracterizarlo de forma simple como el tiempo de los ciclos glaciares y del surgimiento del género Homo.

Debido a que es el periodo más reciente, permite a los científicos un estudio más detallado de los aspectos geológicos, geomorfológicos y de toda la fauna y flora asociada a estos elementos. De esta manera ha sido posible la reconstrucción detallada de los ambientes, deterioro del clima, paisajes y modos de vida de la fauna y la flora de esta etapa tan importante en la historia de la humanidad.

Para un mayor detalle, los científicos dividieron a su vez los periodos en tiempos geológicos cada vez más pequeños. En el periodo Cuaternario encontramos la época del Pleistoceno<sup>1</sup> un espacio de tiempo caracterizado por un enfriamiento del planeta y por las últimas glaciaciones que cubrieron de hielo una parte importante de la superficie terrestre. Estas glaciaciones fueron modificando los ecosistemas existentes<sup>2</sup>, y provocó importantes extinciones de especies, pero a su vez nuevas oportunidades para otras. Desde hace aproximadamente unos 10ka, la época en la que vivimos es conocida como Holoceno. Estas divisiones temporales están avaladas tanto como por la International Union of Geological Sciences (IUGS por sus siglas en inglés) y por la Commission on Stratigraphy (ICS)<sup>3</sup>

Como hemos comentado, en el Cuaternario y sobre todo en el Pleistoceno el deterioro del clima (enfriamiento), es una de las características más importantes de este momento prehistórico por lo que ha resultado imprescindible el conocimiento de todos los factores que afectan al clima en la Tierra. Repasemos algunos de ellos: el cierre del istmo de Panamá fue un hito importante, provocó la extinción en algunas regiones del planeta de las faunas tropicales y su sustitución por otras más frías, así como el descenso del nivel del mar y la proliferación del hielo en los casquetes polares, por lo

---

<sup>1</sup>Periodo geológico que comprende entre 2.59ma y 10ka. Bermúdez de Castro, J. M., 2013. *Un viaje por la prehistoria*. Madrid. Ed. Akal

<sup>2</sup>El clima más frío y seco favoreció la aparición de ambientes más abiertos por ejemplo en África, los ecosistemas forestales fueron retrocediendo y las sabanas se abrieron paso, en este momento se encuentran los primeros fósiles del género Homo y de Paranthropus. Arsuaga, J., & Cid, S. (2019). *Vida, la gran historia*. Barcelona: Destino. Pp 327.

<sup>3</sup>Silva, P.G., Bardají, T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., 2017. El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4), 113-154.

que la tierra se fue enfriando sometiéndose a ciclos fríos (periodos glaciares) y en ocasiones a otros más cálidos (periodos interglaciares).

La Tierra, junto con todo el sistema solar forma parte de un sistema muy complejo, por lo que hay varias explicaciones respecto a porqué que la Tierra se ve sometida a estas variaciones climáticas, una de ellas podría estar en los llamados ciclos de Milankovich o cambios de la órbita terrestre<sup>4</sup>. Estos ciclos hacen que la Tierra reciba menos radiación solar en algunos momentos; el hecho de que la tierra gire a intervalos conocidos también aporta datos interesantes que nos ayudan a comprender estos cambios climáticos. Otra explicación estaría relacionada con la cantidad de dióxido de carbono (y otros elementos como vapor de agua y metano) presentes en la atmosfera, que varían de manera sustancial en los periodos glaciares e interglaciares. En los momentos más fríos el dióxido de carbono estaba menos presente en la atmosfera que en los tiempos interglaciares. Los científicos saben esto porque se ha podido estudiar el gas atrapado en las burbujas de aire contenidas en el hielo de los polos; también el propio sol es un elemento a tener muy en cuenta ya que éste tiene continuas alteraciones en la cantidad de luz y energía que emite<sup>5</sup>, modificando de manera importante el clima terrestre.

Con todos estos datos podemos hacernos una idea de por qué se originan los periodos glaciares que en Europa llamamos: Gün, Mindel, Riss y Würm -denominados así por los afluentes del río Danubio<sup>6</sup>- en los que se formaron enormes masas de hielo de cientos de metros de espesor en gran parte del hemisferio norte, siendo especialmente intensas en el Pleistoceno medio (780ka-120ka)<sup>7</sup>. Como hemos comentado, los periodos gélidos se alternaron con otros momentos de regresión glacial o periodos interglaciares, el último de estos periodos más cálidos se dio entre los 130ka y los 75ka, mientras que el Ultimo Máximo Glaciar<sup>8</sup>, que representa la máxima extensión del hielo, se dio entre 24-19ka.

Para un mayor detalle y precisión, en la actualidad los científicos hablan de MIS (Estadios Isotópicos Marinos) en lugar de periodos glaciares o interglaciares, que guardan relación con los isótopos del oxígeno O<sup>18</sup>- O<sup>16</sup> presente en las aguas, para más detalle ver la figura 1.

---

<sup>4</sup> Según las mediciones de los astrónomos la tierra gira alrededor del sol variando de manera periódica su órbita entre casi circular y más elíptica, llamada excentricidad de la órbita terrestre, que influye directamente en la cantidad de radiación solar que recibe la tierra;. Cuanto mayor es la excentricidad menor es la cantidad de radiación. Bermúdez de Castro, J. M, 2013. *Un viaje por la prehistoria*. Madrid. Ed. Akal. Pp 52.

<sup>5</sup> El sol tiene un ciclo conocido de 11 años en los que varía la cantidad de radiación total que recibimos, aunque en este caso concreto este ciclo es muy corto para que se noten las consecuencias a muy largo plazo en el clima terrestre. Silva,P.G., Bardají,T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., 2017. El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4), pp 132.

<sup>6</sup>Silva,P.G., Bardají,T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., 2017. El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4), pp 119.

<sup>7</sup>Bermúdez de Castro, J. M, 2013. *Un viaje por la prehistoria*. Madrid. Ed. Akal. pp53

<sup>8</sup>Silva,P.G., Bardají,T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., 2017. El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4), pp 120.

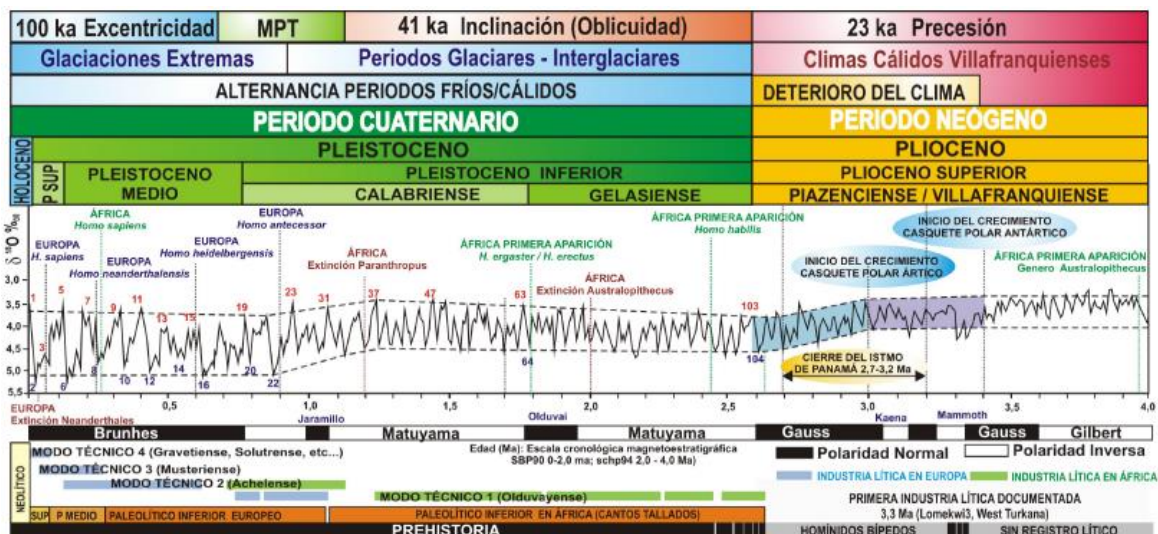


Figura 1: Estratigrafía del periodo Cuaternario y Neogeno final puesta a escala en relación a los registros Isotópicos Marinos, la escala magnetoestratigráfica tradicional, los ciclos orbitales de Milankovich y a los periodos tecno-culturales. También aparecen los momentos de aparición y desaparición de las especies de homínidos conocidas. Fuente: Silva, P.G., Bardají, T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., 2017. El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4), pp 117.

Por tanto, el inicio del Cuaternario y del Pleistoceno lo situamos en el MIS 103, coincidente con la inversión magnética Gauss-Matuyama y con el llamado deterioro climático hace 2,6 Ma. El Pleistoceno medio tiene su inicio en el MIS 19, coincidente del mismo modo con otra inversión magnética, la Matuyama-Brunhes hace 780 ka. El comienzo del Pleistoceno superior coincide con la llegada de un periodo interglaciar anterior al último gran ciclo frío hace 126 ka. El Pleistoceno medio es un periodo muy importante para conocer las cronologías y los patrones en la evolución del género Homo y sus diferentes ramificaciones.

## 2. Linaje Neandertal

### 2.1. Introducción al concepto

Vamos a intentar explicar de manera sintética este nuevo concepto de Linaje Neandertal, ya que es un concepto que se podría aplicar a otros momentos de la evolución humana, pero que de momento, gracias a los innumerables estudios sobre la materia y al interés que los humanos actuales hemos tenido por este otro humano, solo se ha desarrollado completamente para este momento concreto, abriendo sin duda el debate para otros periodos. Durante la historia de la paleontología siempre ha existido



un debate en torno a la figura del Neandertal. Una parte de la comunidad científica ha sostenido que se trataba de una especie diferente a la nuestra- *Homo neanderthalensis*-, otros han propuesto que se trataba de una subespecie –*Homo Sapiens neanderthalensis*- e incluso se ha propuesto que se ha de incluir dentro de nuestra propia especie –*Homo sapiens*-. Los argumentos a favor de que somos dos especies diferentes tienen que ver, en primer lugar, con nuestras características físicas –fenotipo-, pues muchos consideran que somos lo suficientemente diferentes como para diferenciarnos como especie; y en segundo lugar, existe un argumento filogenético, donde se explica que neandertales y nosotros mismos tenemos un antepasado común próximo, del que evolucionaron los dos linajes o especies citadas<sup>9</sup>.

El concepto tradicional de especie es un concepto aún abierto a debate, pero que tradicionalmente se ha entendido como una unidad reproductiva aislada, definida por primera vez por Linneo en 1758<sup>10</sup> y posteriormente reforzada por la propuesta de Ernest Mayr en 1942<sup>11</sup>, donde una especie se reproduce entre sí y jamás con individuos de otras especies. Veinte años después, el paleontólogo George Gaylord Simpson añadió un matiz importante: el temporal, es decir, dos sujetos son miembros de una misma especie mientras tengan un ascendiente común del que comparten ciertas características apreciables a lo largo del tiempo y distinguibles de otras especies o linajes, en otras palabras, que estén conectados evolutivamente<sup>12</sup>.

Y es con esta nueva visión de Simpson a partir de la cual se ha construido el concepto de Linaje. Durante los años 1980 del siglo XX, se redescubren lo que llamamos los antepasados del Neandertal, en los que se empiezan a apreciar las características de estos pero de una forma más arcaica; y a partir del siglo XXI se ha profundizado aún más en esta cuestión, cuando algunos autores alargan los orígenes de este linaje al Pleistoceno inferior, a ejemplares de hace más de 780ka –Rosas 2000<sup>13</sup>-. Lo que es seguro es que estas características arcaicas de los neandertales aparecen en los fósiles pre-neandertales de la Sima de los Huesos del yacimiento de Atapuerca, datados hace 450ka, o en los fósiles de *Homo heidelbergensis* de Swanscombe (400ka, Inglaterra), Aragón (450ka, Francia), Mauer (600ka, Alemania) o Petralona (700ka, Grecia), datados en el Pleistoceno medio. Es a todo este conjunto de ejemplares que comparten ciertas características a los que se les ha incluido en el mismo linaje. Otra cuestión es si todos los individuos descubiertos y que pertenecen a este linaje son la misma especie –*Homo Neanderthalensis*- que es el extremo final de este linaje, por eso algunos autores hablan

---

<sup>9</sup>Lalueza-Fox, C. (2013). El problema de la definición de especie y el genoma neandertal en Rasilla Vives, M. (2013). *F. Javier Fortea Pérez : Universitatis Ovetensis Magister*. Asturias: Ménsula. pp 97.

<sup>10</sup>IBIDEM.

<sup>11</sup>Rosas, A. (2013). Origen, evolución y muerte del linaje neandertal. Catorce preguntas básicas y una propuesta arriesgada en Rasilla Vives, M. (2013). *F. Javier Fortea Pérez : Universitatis Ovetensis Magister*. Asturias: Ménsula, pp 103.

<sup>12</sup>IBIDEM, pp 104.

<sup>13</sup>IBIDEM, pp 104. Aquí podríamos incluir también a los fósiles del yacimiento francés de Tautavel en el Rosellón, sus descubridores, Marie y Henry de Antoinette les han llamado *Homo erectus tautavelensis*.

de *clado*, haciendo referencia a un conjunto de entidades biológicas genéticamente relacionadas<sup>14</sup>.

Los restos fósiles anteriormente mencionados, los que poseen esas características neandertales pero más arcaicas, se han atribuido tradicionalmente a la especie *Homo heidelbergensis* o como algunos autores denominan: clado Europeo<sup>15</sup>, datados en el Pleistoceno medio. Pero recientemente, algunos autores (Tattersall and Swartz, 2009) hacen una distinción entre los fósiles más relacionados con estos últimos (*Homo heidelbergensis*<sup>16</sup>) – los fósiles hallados en Petralona y en otros yacimientos- y los relacionados claramente con el clado Neandertal- los fósiles hallados en la Sima de los Huesos-, dado que presentan una clara similitud entre ellos, aunque como hemos mencionado, con rasgos más arcaicos. Por lo que si nos ceñimos a esta teoría hablaríamos de dos clados coetáneos que vivieron en Europa hace aproximadamente medio millón de años, los *Homo heidelbergensis* y el grupo humano que habitó en la Sima de los Huesos de Atapuerca.

Los ejemplares encontrados en la Sima de los Huesos han sido muy importantes para el estudio de este linaje, ya que muestran una serie de características que los Neandertales posteriores también poseerán, sobre todo las relacionadas con el aparato masticador. Esta característica indica que estos cambios faciales fueron uno de los primeros pasos en la evolución del linaje Neandertal<sup>17</sup> o al menos esto es lo que parece indicar los restos de este yacimiento tan importante. Entre estos rasgos destacamos el prognatismo mediofacial y otra serie de rasgos que describiremos más adelante.

## **2.2. Contexto paleoantropológico y evolutivo de la Prehistoria en Europa.**

Como comentamos con anterioridad, el género *Homo* tuvo su origen hace aproximadamente 2,5ma en África, este puede ser un tema aún en discusión y a la espera de nuevas pruebas es necesario establecer unos límites, por lo que nos quedaremos con esta fecha. Desde que se conoce la existencia de industrias líticas en este período y en los siguientes, y en sus respectivos contextos geológicos, han surgido nuevas disciplinas que se encargan de subdividir los periodos temporales, no solo en base a la Geología sino a las propias industrias líticas, de este modo surgen la Paleoantropología, la Prehistoria y la Arqueología que proponen otras escalas temporales. Si nos basamos en las industrias, hablaríamos de los periodos Paleolítico, Mesolítico y Neolítico, a su vez divididos en periodos específicamente tecno-culturales

---

<sup>14</sup>Hublin. J. J. 2009. The origin of Neanderthals. PNAS, 16022-16027

<sup>15</sup>IBIDEM.

<sup>16</sup>Algunos autores sostienen que esta especie (*Homo heidelbergensis*) no tiene la suficiente entidad como para ser denominada especie ya que el ejemplar tipo de esta es solo una mandíbula, localizada en Mauer en 1907. Arsuaga, J., & Cid, S. (2019). Vida, la gran historia. Barcelona: Destino, pp 572.

<sup>17</sup>Arsuaga, J.L.,Martínez, I. et al. (2004). Neandertal roots: Cranial and chronological evidence from Sima de los Huesos. Science, 344, 1358-1363.

como Olduvayense, Achelense, Musteriense, Auriñaciense...<sup>18</sup>, todo ello para facilitar la comprensión de la evolución humana en los distintos ámbitos geográficos, en este caso, nos referiremos al contexto europeo.

El origen geográfico de las primeras migraciones de homínidos a Europa, el número de especies existentes durante el Pleistoceno inferior y medio, o su relación genética son temas aún por debatir y descubrir. Los datos que nos aporta la Arqueología señalan la presencia de industria lítica y de un molar datado hace 1,4ma en la propia Península Ibérica, concretamente en Fuente Nueva y Barranco León 5 (Granada), y de una mandíbula hallada en Atapuerca (Sima del Elefante, Burgos) datada en 1,2ma. Estos hallazgos se asocian a la tecnología lítica del modo 1; y la tecnología lítica achelense se asocia a los homínidos de un periodo más tardío, el Pleistoceno medio y a los homínidos del linaje Neandertal<sup>19</sup>

El espacio que ocuparon los distintos clados en Europa o el linaje Neandertal en el Pleistoceno medio fue extremadamente amplio, abarcando desde las costas portuguesas hasta Siberia (siempre por debajo de los 55° de latitud N) y Oriente Próximo. Su origen se data en el periodo interglaciario -MIS 15<sup>20</sup>- hace aproximadamente 0,6ma, provocando este clima favorable una migración de homínidos africanos -*Homo rhodesiensis*- con tecnología achelense, que aprovecharon ese periodo más cálido y benigno para un desplazamiento hacia Eurasia<sup>21</sup>. Mientras que los individuos clasificados taxonómicamente como Neandertales se datan en un periodo frío MIS8 que engloba desde 0,3ma hasta cerca de los 40ka<sup>22</sup>, momento de la definitiva extinción de esta especie.

El origen de los llamados Neandertales clásicos es euroasiático, pero por la abundancia de restos fósiles musterenses encontrados suponemos que su área nuclear se encontraba en el sudoeste francés y en las Penínsulas Itálica e Ibérica. La Península Ibérica, en estos momentos, es el foco de estudio del todo el Pleistoceno medio y superior: en primer lugar, por la gran cantidad de restos musterenses encontrados y, en segundo lugar, por la importancia de sus yacimientos, como la Sima de los Huesos (Burgos), Lezetxiki (Guipúzcoa), Bolomor (Valencia), El Sidrón (figura 4) (Asturias), El Castillo (Cantabria) entre otros. Algunos de ellos cuentan con restos musterenses muy tardíos,

---

<sup>18</sup>Silva, P.G., Bardají, T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., 2017. El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4), pp115.

<sup>19</sup>Rosas González, A. (2016). La evolución del género humano "Homo". Madrid: CSIC, pp82.

<sup>20</sup>Silva, P.G., Bardají, T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., 2017. El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4): 113-154

<sup>21</sup>Hublin, J.J. (2009). *The origin of Neanderthals*. PNAS, 106, 16022-16027

<sup>22</sup>Hajdinjak, M., Fu, Q., Hübner, A. et al. (2018). Reconstructing the genetic history of late Neanderthals. *Nature* 555, 652-656

posiblemente los más tardíos de Europa, como en el caso de la cueva de Gorham en Gibraltar<sup>23</sup>.

Durante ese largo periodo, que engloba desde el MIS15 (0,6ma) hasta los 40ka en que vivieron los últimos miembros del grupo Neandertal, se alternaron ecosistemas florales y faunísticos de tundra-estepa glacial y bosques caducifolios templados, lo que provocó importantes adaptaciones biológicas que veremos a continuación. Como hemos ido comentando en otros puntos, los homínidos de la Sima de los Huesos de Atapuerca (SH) y otros individuos similares (Aragó, Mauer, Petralona...) han permitido estudiar con detalle la anatomía de estos seres humanos del pasado. Está bien constatado que la media de sus capacidades craneales estaba en torno a los 1200 cm<sup>3</sup>, claramente por encima del Homo erectus asiático y por debajo de los llamados Neandertales. Con estos datos es posible hallar el índice de encefalización, en el caso de los homínidos de la SH es de 3.27<sup>24</sup>, más bajo que los humanos modernos y que sus descendientes los Neandertales.

Los Neandertales y sus ascendientes eran homínidos con una gran corpulencia, que requerían de una ingesta calórica muy elevada, sobre todo de origen animal, pues se especializaron en ser cazadores de mamíferos de tamaño grande y mediano de forma muy eficiente. Es posible que en algunas ocasiones cazaran elefantes pero sus presas eran en su mayoría cérvidos. Su anatomía también podría explicarse por algunas adaptaciones a los climas más bien fríos en los que vivían, aunque otros autores sostienen que estaban muy limitados para vivir en las condiciones periárticas<sup>25</sup>, así que es una cuestión todavía en debate. Es bien conocido que sobre todo los Neandertales habían desarrollado una importante y avanzada cultura material, que en muchos aspectos no distaba en nada de la que desarrollaron los humanos anatómicamente modernos en sus primeros momentos<sup>26</sup>, por lo que parece bastante claro que habían desarrollado muchas de las cualidades que se denominan plenamente humanas, como la capacidad de hablar, un sofisticado ambiente cultural, incluyendo el enterramiento de sus muertos, la ornamentación de su cuerpo a través de pinturas y otros elementos como plumas, o la posible creación de las primeras pinturas rupestres de carácter simple como los tectiformes encontradas en las cuevas del Monte Castillo en Puente Viesgo (Cantabria), aunque es un tema aún en debate ya que resulta muy difícil establecer una autoría clara.

Para exponer la aparición de los Humanos Anatómicamente Modernos, los científicos han ido desarrollando a lo largo del tiempo una serie de modelos (dos modelos con sus variantes) para explicar este proceso, aquí los repasaremos de manera sintética para

---

<sup>23</sup>Rosas, A. (2013). Origen, evolución y muerte del linaje neandertal. Catorce preguntas básicas y una propuesta arriesgada en Rasilla Vives, M. (2013). *F. Javier Fortea Pérez : Universitatis Ovetensis Magister*. Asturias: Ménsula, pp 111.

<sup>24</sup>Arsuaga, J.L.,Martínez, I. et al. (2004). Neandertal roots: Cranial and chronological evidence from Sima de los Huesos. *Science*, 344, 1358-1363.

<sup>25</sup>J. J. Hublin. 2009. The origin of Neanderthals. *PNAS*, 16022-16027.

<sup>26</sup>Rosas González, A. (2016). La evolución del género humano "Homo". Madrid: CSIC, pp 104.

poder comprenderlos ya que las implicaciones que tienen uno u otro en la comprensión de la evolución del género *Homo* son muy importantes (Figura 2).

El primer modelo es el llamado Modelo Multiregional o de Candelabro, que sostiene que las distintas razas humanas que pueblan hoy la Tierra tienen un origen muy antiguo, en el pleistoceno inferior. Aquellos grupos de esta época, *Homo erectus*, que salieron de África poblaron la mayor parte del planeta y habrían ido evolucionando y transformando su anatomía hasta alcanzar las formas de los *sapiens* actuales. Cada grupo humano alcanzó sus particularidades fenotípicas locales, pero manteniendo la “forma” *sapiens*<sup>27</sup> gracias a un flujo genético relativamente constante a lo largo del tiempo. Este modelo se basa en el concepto clásico de evolución lineal y no reconocen otras especies como *Homo ergaster*, *erectus*...ya que *Homo Sapiens* “abarca todas las formas humanas”<sup>28</sup>.

El siguiente Modelo es el conocido como *out-of-Africa* o MOAR “Modelo de Origen Africano Reciente”. Este modelo defiende que los *sapiens* se habrían originado en África exclusivamente, en una época reciente. Posteriormente se expandieron a través de distintas oleadas migratorias al resto del mundo, sustituyendo a las poblaciones más arcaicas de otras “especies”, este modelo niega cualquier tipo de hibridación<sup>29</sup>.

A partir de estos modelos y debido a las nuevas pruebas que la paleogenética aporta, los autores de estos modelos han introducido diversos matices y variantes. Un cambio importante al modelo MOAR es el que acepta un intercambio ocasional de genes entre las formas más modernas y las arcaicas, por lo que se llamaría modelo MOAR con hibridación o reemplazo con hibridación.

Otra variante llamada modelo de asimilación, acepta el origen africano reciente para los humanos modernos tal y como el MOAR explica, pero sustituye el fenómeno del reemplazo por el de la asimilación, que viene a decir que las formas resultantes son una combinación de las formas antiguas y las más nuevas a través de un intenso proceso de cruzamiento y flujo genético. Este modelo se sostiene gracias a las pruebas que la arqueología y sobre todo la paleogenética nos aporta sobre cuándo y cómo pudo darse la primera salida de África, pues son conocidos dos momentos en los que hubo flujo de genes entre humanos anatómicamente modernos y Neandertales. Uno es datado hace 60ka y otro hace aproximadamente unos 100ka. Se ha supuesto que estos encuentros pudieron darse en la zona del levante Mediterráneo, pues los restos coetáneos de *Sapiens* y Neandertales en Skhul y Qafzeh<sup>30</sup> así podrían demostrarlo. De este modo, alguno de estos grupos fruto de la hibridación y el mestizaje llegaron a Europa y conformaron el panorama de la evolución humana en el Paleolítico Superior europeo

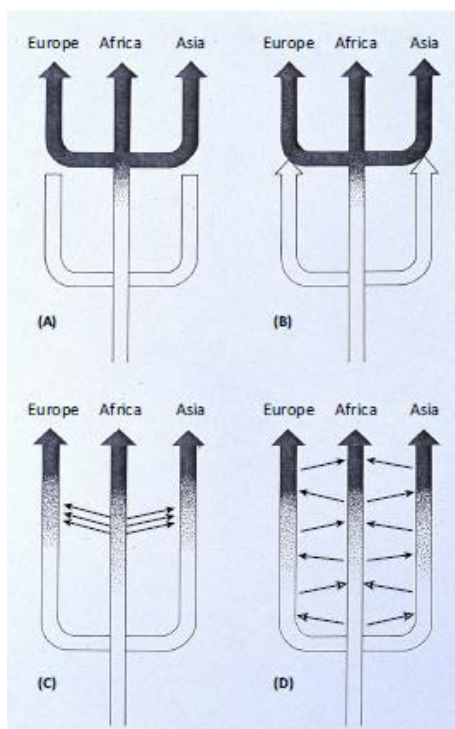
---

<sup>27</sup>Rosas González, A. (2016). *La evolución del género humano "Homo"*. Madrid: CSIC, pp116.

<sup>28</sup>IBIDEM, pp 117.

<sup>29</sup>IBIDEM, pp117.

<sup>30</sup>IBIDEM, pp 107.



**Figura 2. Modelos propuestos para explicar el origen de la diversidad humana actual. A-Modelo MOAR. B-Modelo MOAR con hibridación. C-Modelo de asimilación. D-Modelo multiregional.**

**Fuente:** <http://paleoantropologiahov.blogspot.com/>

### 3. Estudios genéticos

#### 3.1. Antecedentes e historiografía

Podemos definir a la disciplina de la paleogenómica como la recuperación y análisis del material genético de los seres vivos del pasado, que nos permite conocer de forma muy directa como fue la evolución<sup>31</sup>. Con esta nueva disciplina se pueden superar debates arqueológicos y antropológicos que han durado mucho tiempo, pero aun así es una disciplina muy reciente que tiene mucho margen de mejora y enormes vacíos que aún quedan por cubrir. A pesar de la corta evolución de esta disciplina, podemos hacer un pequeño repaso de su historia, desde los inicios, cuando se comenzó a conocer lo que eran los mismos genes, hasta el desarrollo de las últimas plataformas de secuenciación masiva de genes y los últimos experimentos con homínidos y otros mamíferos que se remontan hasta los 600ka de antigüedad<sup>32</sup>.

<sup>31</sup>Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revista de Difusió De La investigació*. *Mètode science Studies journal* 8, 91-97.

<sup>32</sup>IBIDEM, en las condiciones heladas de Siberia, muy propicias para la conservación del ADN, se ha recuperado el genoma de un équido del Pleistoceno, de 600ka aproximadamente.

La paleogenómica sienta sus bases a la vez que la biología moderna, en 1859, con la publicación de *El origen de las especies* por parte del naturalista Charles Darwin. En esta obra se aclaraban los medios por los que los progenitores transmiten ciertas características a los descendientes. Además se afirmaba que todas las especies están relacionadas entre sí y que únicamente se diferencian debido a una serie de cambios aleatorios, que solo son transmitidos si tienen utilidad para la supervivencia y la reproducción<sup>33</sup>. Al mismo tiempo que Darwin publicaba su gran obra, un monje de Moravia llamado Grégor Mendel trabajaba (1822-1884)<sup>34</sup> en sus experimentos seleccionando guisantes. En estos experimentos acabó de completar algunos vacíos de conocimiento que Darwin había dejado; las características (fenotipo) de los guisantes se transmitían por factores emparejados (genes), y a partir de sus observaciones elaboró las leyes de la herencia. Estas leyes nos dicen que cada rasgo fenotípico está controlado por dos alelos, cada uno de ellos procedente de un progenitor, siendo uno de ellos dominante y el otro recesivo, y por otra parte descubrió que cada rasgo fenotípico se transmite de manera independiente y que no influye en el resto de rasgos. Por ejemplo; que los rasgos que determinan como es la superficie de una semilla no influyen en cómo es su color<sup>35</sup>.

A pesar de los esfuerzos de Mendel, hay que decir que ninguna de las leyes que propuso son del todo correctas y que sí que existen rasgos fenotípicos comúnmente asociados, como por ejemplo el cabello rubio y los ojos azules en los seres humanos. El siguiente gran salto lo protagonizó T.H.Morgan en 1910, cuando consiguió afianzar las teorías de Mendel sobre la herencia y, así mismo, demostrar la localización de los genes en los cromosomas, ya descubiertos en la década de 1840, pero se desconocía su utilidad. Los cromosomas están constituidos por cromatina, que es una combinación de ácido desoxirribonucleico (ADN) y de proteínas que se localizan en el núcleo de las células, donde se encuentra la mayor parte del ADN, aunque fuera del núcleo celular también lo hay, como en las mitocondrias y en los cloroplastos<sup>36</sup>. Esta información les resulta muy útil a los científicos, al extraer el escaso ADN que se encuentra en los restos fósiles con centenares de miles de años de antigüedad.

A principios del siglo XX, las teorías de Mendel y de Darwin no resultaban compatibles y esa fue la principal tarea de los científicos de esos años; con multitud de desacuerdos y discusiones se pudo establecer la relación y un mayor desarrollo de estas teorías. Para explicarlo, hablaremos en primer lugar del genetista Ronald Fisher<sup>37</sup>, representante de la escuela de la genética de poblaciones, una entre muchas otras del momento. La clave de esta corriente fue entender cómo los genes afectan a una población de individuos y cómo los caracteres se heredan en todo ese conjunto, en vez de pensar en un solo individuo. También se dieron cuenta de que las mutaciones que resultan ventajosas se van poco a poco incorporando al conjunto de la población, en vez de pensar en que las

---

<sup>33</sup>Henderson, M. (2010). *50 cosas que hay que saber sobre genética*. Barcelona: Ariel. pp 10.

<sup>34</sup>IBIDEM, pp 11.

<sup>35</sup>IBIDEM, pp 15.

<sup>36</sup>IBIDEM, pp 20.

<sup>37</sup>IBIDEM, pp 23.

mutaciones se producían de una forma repentina<sup>38</sup>. En sintonía con esta idea Sewall Wright desarrolló el concepto de la deriva genética<sup>39</sup>, que explica cómo dos grupos de una misma población y especie que se separan, ya sea por factores climáticos o geográficos, tienden a diferenciarse cada vez más entre ellos, convirtiéndose a menudo en dos especies distintas. Otra idea que permite explicar el proceso de especiación es la selección natural, una idea original del propio Darwin, que acabó de argumentarse completamente en este momento.

Como en todas las disciplinas, el saber actual está conformado por pequeños pasos pero importantes de muchos científicos que trabajaron para ampliar los conocimientos. Hasta aproximadamente los años 1980 del siglo XX, que es cuando nace una nueva disciplina -la paleogenética- el nombre más destacado en este campo es Francis Crick que junto con otros científicos logran descifrar el código genético escrito en la doble hélice (Adenina, Citosina, Guanina y Timina), que en combinación forma lo que se llamará “tripeletes”<sup>40</sup>. En 1972, Walter Fiers determina la primera secuencia genética y esto le sirve a Sanger en 1977 para secuenciar el primer genoma de un organismo completo, el virus fago denominado Phi-X174 y el primer genoma mitocondrial humano en 1981<sup>41</sup>.

Desde los años 1980 viene un periodo muy activo en cuanto al estudio de la paleogenómica, donde se hacen avances muy importantes; en 1984 se consigue extraer ADN de una cebra extinta llamada Quagga<sup>42</sup>, aquí se inaugura oficialmente el campo de la recuperación del ADN antiguo<sup>43</sup>, recuperando ADN del équido sudafricano a través de la técnica de la clonación de bacterias. Un año después, en 1985 Svante Pääbo, el pionero de esta disciplina publica la recuperación de ADN de una momia egipcia. El método utilizado fue también la clonación de bacterias, sin duda fue un gran avance pero hoy está demostrado demostrado que en este estudio se produjo contaminación con ADN humano moderno.<sup>44</sup>

La clonación de bacterias es una técnica que presenta limitaciones, de las que hablaremos en otro apartado; por eso se buscó desarrollar otras técnicas que permitiesen la recuperación de ADN antiguo. En este momento se desarrolla la PCR, que permite la recuperación de fragmentos específicos de ADN para después analizarlos. Esta técnica permitió a Mark Stoneking y Rebecca Cann, en 1987, comparar el ADN mitocondrial de personas de todo el mundo; elaboraron un estudio en el cual se extraía ADN a distintas personas de diferentes regiones del planeta y a través de los datos pudieron

---

<sup>38</sup>Henderson, M. (2010). *50 cosas que hay que saber sobre genética*. Barcelona: Ariel, pp 23. Las mutaciones son pequeños errores en el proceso de copia del material genético, siendo éstas el material básico para la evolución. Hermann Muller (1860-1967) consiguió inducir estas mutaciones a través de los rayos X, siendo uno de los padres de la manipulación genética.

<sup>39</sup>IBIDEM, pp 25.

<sup>40</sup>IBIDEM, pp44.

<sup>41</sup>IBIDEM, pp 51.

<sup>42</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp48.

<sup>43</sup>Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revista de Difusió De La investigació*. Mètode science Studies journal 8. 91-97.

<sup>44</sup>IBIDEM.



rastrear un único ancestro común al conjunto de las poblaciones actuales, que vivió en África aproximadamente hace 100ka o 200ka.<sup>45</sup> Pero en cuanto a la paleogenómica, uno de los primeros grandes hitos fue la recuperación de ADN mitocondrial de un Neandertal datado en 40ka, el trabajo fue liderado por Svante Pääbo y portada de la revista Cell en 1997.<sup>46</sup>

Posteriormente, los científicos paleogenetistas se centraron en el estudio de los animales y en crear las filogenias que nos permitieran entender cómo había sido la evolución y que afinidad genética hay entre las distintas especies.

### **3.2. Inicio de los estudios genéticos sobre los homínidos**

Como en la mayoría de las disciplinas de la ciencia moderna, éstas no pueden trabajar por separado e inevitablemente se exige de una colaboración interdisciplinar entre muchas de ellas, este es también el caso de la paleogenómica aplicada a homínidos, ya que exige una colaboración interdisciplinar entre genetistas, arqueólogos y antropólogos. A continuación vamos a repasar cuáles han sido los hitos más importantes respecto a la genética aplicada al estudio de la evolución de los homínidos.

Como se indicó anteriormente, los esfuerzos iniciales se centraron en el estudio de los animales, desarrollando las diferentes técnicas que permitirían a los científicos la extracción de ADN antiguo en especies humanas ya extintas. De este modo, en 1997 Svante Pääbo consigue extraer ADN mitocondrial de Neandertal, donde se descubrió que humanos modernos y Neandertales eran linajes distintos, al menos hasta un cierto punto, dada las diferencias en cuanto a su ADN mitocondrial.

Svante Pääbo siguió trabajando e intentando conseguir más material del que poder extraer ADN. En el periodo que va desde el año 1999 hasta el año 2010, trabajó en los restos hallados en la cueva de Vindija (figura 4) (Croacia), logrando extraer más material genético. En estos experimentos se demostró la viabilidad de generar una secuencia del genoma neandertal completa. Se analizaron un total de 21 huesos, extrayendo las muestras con un taladro de odontología en la sala estéril de Instituto Max Planck en Leipzig y se determinó la cantidad de ADN no contaminado que tenían las muestras; aproximadamente 1,5% de la muestra era útil, el resto proviene de microorganismos y bacterias adheridos a las muestras. El siguiente paso consiste en validar que ese 1,5%, no se haya contaminado con ADN de humano moderno, por lo que se realizan una serie de comparativas entre ADN de chimpancé, neandertal y humano moderno. Para la secuenciación de ADN se utilizaron las plataformas 454 Life

---

<sup>45</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial pp 67.

<sup>46</sup>Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revista de Difusió De La investigació*. *Mètode science Studies journal* 8. 91-97.

Sciences GS FLX/ Titanium e illumina GAI<sup>47</sup>, o más conocidas como plataformas de secuenciación masiva de ADN. Estas plataformas se comenzaron a desarrollar en el año 2000, pasando la paleogenómica de ser una disciplina casi artesanal a una industrial, con todas las implicaciones que se derivan de esto: una mayor cantidad y calidad de genes analizados e incluso la obtención de genomas completos.

El año 2005 será un momento importante, ya que en la cueva del Sidrón (Asturias) los científicos españoles como Antonio Rosas en colaboración con Svante Päävo<sup>48</sup>, ponen en práctica los protocolos anticontaminación para evitar que las muestras llegaran contaminadas de ADN humano moderno al laboratorio. Es así como se pudo empezar a recuperar ciertas partes de ADN nuclear y a estudiar genes concretos, como por el ejemplo el relacionado con “aspecto” y las adaptaciones de los neandertales, así como los genes relacionados con el habla o para la pigmentación rojiza del cabello.

En el año 2008, en el Congreso científico celebrado en Sitges, se reunieron los científicos más destacados en la materia y Päävo presentó al gran público la secuenciación completa de un fémur humano moderno datado en 45ka llamado Ust'-Ishim<sup>49</sup>, que forma parte de los restos de humanos modernos más antiguos de Eurasia. Cuando se analizó el genoma de estos restos, se vio que mostraba signos de hibridación con neandertales. Su relación con los humanos actuales actual presentaba varias peculiaridades; mostraba una mayor afinidad con los asiáticos que con los europeos, pero gracias a la comparativa con otros restos europeos más cercanos en el tiempo, se pudo saber que se trataba de una población del Paleolítico superior anterior a la que daría lugar a los asiáticos y europeos actuales. Este es solo un pequeño extracto de lo que pudo ocurrir con las poblaciones de humanos modernos durante en Paleolítico superior, por lo que podemos intuir un panorama mucho más complejo de varias poblaciones, migraciones y mezclas entre ellas.

Otro de los hitos importantes de este momento fue el desarrollo de las plataformas de secuenciación masiva o de segunda generación, convirtiendo la paleogenómica en un proceso informático en casi su totalidad, que permite generar billones de secuencias de restos del pasado y la construcción de genomas completos de estas poblaciones humanas.

En el año 2009, se descubre en la cueva de Denisova, en la región de Altai en Siberia, un pequeño fragmento de hueso que se envió al Instituto Max Planck (Alemania) para comprobar si contenía algún tipo de ADN. Por sorpresa, se halló una cantidad considerable de ADN mitocondrial por lo que se pudo elaborar el genoma mitocondrial completo y compararlo con el ADN de neandertales y humanos actuales. Los resultados

---

<sup>47</sup>Green, R., Krause, J., Briggs, A., Maricic, T., Stenzel, U., & Kircher, M. et al. (2010). A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science* 328. 710-722.

<sup>48</sup>Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revista de Difusió De La investigació*. Mètode science Studies journal 8, 91-97.

<sup>49</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 65.

indicaban que este linaje Denisovano se había separado antes de que los humanos modernos y Neandertales compartieran un ancestro común, este ancestro común vivió aproximadamente hace 1ma.<sup>50</sup>

En 2011 se consigue extraer ADN de restos humanos del Mesolítico en la Península Ibérica, concretamente en la localidad leonesa de La Braña, que junto con otros trabajos elaborados por toda Europa –Stuttgart y Loschbour- han logrado ampliar el conocimiento del periodo transicional Mesolítico-Neolítico<sup>51</sup>.

El límite tecnológico de la paleogenómica actual lo encontramos en la recuperación en ADN mitocondrial y nuclear en 2014 y 2016, respectivamente, de los restos de la Sima de los Huesos en Atapuerca, datados hace aproximadamente unos 430ka, que nos habla de su parentesco con Denisovanos y Neandertales.

#### 4. Métodos de estudio

A lo largo de la historia de la paleogenómica, los científicos han desarrollado técnicas que permiten una mayor eficiencia a la hora de examinar el ADN extraído de las muestras. Algunas de estas técnicas no solo han servido para el estudio del ADN antiguo, sino que las fuerzas y cuerpos de seguridad de diferentes países han puesto numerosos esfuerzos en mejorarlas, ya que son una parte muy importante en la resolución de asuntos de carácter criminal. En un principio se trataba de un trabajo casi artesanal, que requería una enorme cantidad de tiempo, con no siempre buenos resultados. A medida que han ido evolucionando las diferentes técnicas, sobre todo las de secuenciación masiva de genes, han permitido una mayor eficacia en el estudio de las muestras.

Para entender mejor cómo funcionan estas técnicas, hablaremos del concepto de cobertura genómica<sup>52</sup> que se define por el número de copias de los genes que se tiene en el genoma analizado. Se expresa con una cifra acompañada de una “x”. Una mayor cobertura genómica significará una mayor calidad de las secuencias. Lo ilustraremos con algunos ejemplos, la cobertura genómica que se obtuvo para realizar el trabajo del genoma Neandertal fue de 1,3x: el genoma extraído de Ötzi (una momia de la Edad del Bronce especialmente bien conservada) obtuvo una cobertura genómica de 7,6x, y en

---

<sup>50</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 307.

<sup>51</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 17.

<sup>52</sup>IBIDEM, pp 33.

muestras actuales la cobertura puede llegar a 20x. Es decir, en Ötzi se pueden obtener de 7 a 8 copias completas del genoma de este individuo; pero hay que tener algo en cuenta y es que la cobertura no se distribuye de manera uniforme en cada una de las posiciones, en una posición determinada del genoma puede haber 7 copias pero en otra no puede haber ninguna. La tarea de los científicos que trabajan con las siguientes técnicas es la de extraer el ADN en fragmentos independientes y luego “colocarlos” en sus respectivas posiciones, todo ello gracias a un genoma de referencia<sup>53</sup>.

#### 4.1. Clonación

Se utiliza una enzima capaz de unir trozos de ADN a unas bacterias especialmente elegidas para ello, a las cuales se ha añadido ADN que se quiere clonar. De esta forma, creando nuevas colonias de bacterias en las llamadas placas de crecimiento se consigue clonar nuevas muestras de ADN a partir de estos microorganismos. Un problema importante de este método es que se podían producir errores en las tiras de ADN cuando las propias bacterias se replicaban<sup>54</sup>, induciendo a resultados poco fiables y, por tanto, no válidos para un análisis científico.

#### 4.2 PCR Y Sílice

Conocida como PCR por sus siglas en inglés, o también llamada reacción en cadena de la polimerasa, es una técnica creada por el premio nobel de Química en 1993 Kary Mullis<sup>55</sup>, aunque su trabajo se remonta a 1983. Esta técnica utiliza una enzima llamada ADN polimerasa que sintetiza nuevas secuencias de ADN a partir de dos secuencias originales de una muestra, por ejemplo un hueso. Así, a partir de dos muestras obtenemos cuatro, repitiéndose el proceso hasta aproximadamente treinta o cuarenta turnos de duplicación<sup>56</sup>. Esta técnica es más moderna y eficiente que la clonación, aunque en principio requería de mucho tiempo y multitud de pasos, que implicaban calentar y enfriar las muestras a unas temperaturas exactas, no siempre con buenos resultados<sup>57</sup>. Con el tiempo, el proceso se fue automatizando, utilizando otros tipos de bacterias y creando sistemas que calentaban o enfriaban las mezclas directamente, todo controlado por un software especialmente diseñado para ello<sup>58</sup>.

Por otra parte, existen inconvenientes a la hora de aplicar esta técnica, a saber: en un extracto de un hueso antiguo existen muy pocas moléculas de ADN que puedan resistir el paso del tiempo. Además, antes de la aplicación de las nuevas técnicas de extracción de fósiles en las excavaciones, era muy común contaminar la muestra con ADN humano moderno, dificultando enormemente la interpretación de los resultados. Debido a este daño molecular, la PCR no permite la recuperación de fragmentos extensos de ADN de una longitud mayor de 100 o 200 nucleótidos, y cuando se produce por error se

---

<sup>53</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 34.

<sup>54</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, Pp66

<sup>55</sup>IBIDEM, pp 26.

<sup>56</sup>IBIDEM, pp 26.

<sup>57</sup>IBIDEM, pp 64.

<sup>58</sup>IBIDEM, pp 66.

generan nuevas secuencias erróneas que no existían en el espécimen original. Por eso, Svante Pääbo vio necesario crear entornos completamente estériles<sup>59</sup> (Figura 3), para el análisis y extracción de las muestras, ya que el contacto con un plástico previamente manipulado, así como cualquier agente químico o el polvo del aire<sup>60</sup> pueden contaminar la muestra. El laboratorio estéril estaba protegido por una antesala, allí los científicos se ponían gafas protectoras, batas, guantes y gorros estériles antes de acceder al propio lugar de trabajo, el instrumental era nuevo y traído directamente al laboratorio. Las superficies del laboratorio se fregaban con lejía (la lejía oxida el ADN) a diario y semanalmente se aplicaba luz ultravioleta al laboratorio para eliminar cualquier resto de ADN moderno. Los trabajadores iniciaban su jornada en ese laboratorio antes de acceder a otros lugares. En otros trabajos científicos anteriores hubo errores en el análisis del ADN debido a la contaminación, con estos errores se publicaron diversos estudios irreales de recuperación de ADN antiguo que incluía hojas de árboles del Mioceno, insectos conservados en ámbar o de fósiles de dinosaurios del Cretácico.<sup>61</sup>



**Figura 3. Foto de una parte del laboratorio estéril del Instituto Max Planck de Biología evolutiva.**  
**Fuente:** <https://kaiotto.de/en/bt-d-reinraum-max-planck-institut-f%C3%BCr-biochemie.html>

<sup>59</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 27.

<sup>60</sup>IBIDEM, pp 26. La mayor parte del polvo en suspensión de las habitaciones que ocupamos son parte minúsculas de piel humana con fragmentos de ADN.

<sup>61</sup>Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revista de Difusió De La investigació*. *Mètode science Studies journal* 8. 91-97

También se vio necesaria la creación de protocolos de autenticidad de las muestras,<sup>62</sup> para intentar determinar la procedencia de la contaminación si ésta se producía. De todos modos, en estos momentos el método todavía no estaba preparadp para recuperar secuencias de ADN antiguo lo suficientemente largas como para ser estudiadas.

En el caso del genoma nuclear de los Neandertales, se han determinado cuatro secuencias genéticas mediante la PCR: fragmentos del gen MC1R implicados en la pigmentación de la piel, un segmento del gen FOXP2 involucrado en el habla y el lenguaje, un gen del grupo sanguíneo ABO, y un gen receptor del gusto.<sup>63</sup>

En cuanto a la técnica del Sílice diremos que guarda mucha relación con la PCR ya que ayuda a mantener las muestras de ADN “limpias” para que cuando se haga la PCR no se produzcan errores. Se extrae ADN de microorganismos a través del sílice logrando que el ADN se adhiera a las partículas de este mineral para después ser analizadas con la ayuda de la PCR.

#### **4.3. Problemas derivados de la conservación del ADN y sus implicaciones para su estudio**

A pesar de que los seres vivos cuentan con una gran cantidad de métodos de reparación del ADN, éste está expuesto continuamente a ataques químicos, ya sea en una célula de un portador vivo o en una célula que se encuentra en un hueso o tejido ya muerto.

Por lo que se refiere a los homínidos, es sabido que por lo general, las muestras de diente y hueso obtenidas del interior de la apófisis mastoides del temporal (la zona más dura del cráneo), contienen una mayor cantidad de ADN.<sup>64</sup> Aunque no es descartable obtener ADN de otras partes del cuerpo, como una falange. Ahora veamos algunos ejemplos de por qué se degrada el ADN y qué hacen los científicos para superar estas barreras.

En muchos casos, en su mayoría, la degradación del ADN se debe a motivos naturales. Por ejemplo, una situación que comúnmente ocurre con las muestras de ADN es que se produce la pérdida de un componente químico del núcleo citosina (C), convirtiéndolo en uracilo (U) o la pérdida de nucleótidos<sup>65</sup>. Al morir, el cuerpo se queda sin oxígeno y sin la energía que las células y el ADN necesitan para repararse, fragmentándose cada vez en trozos más pequeños, circunstancia que dificulta el análisis. Otro proceso de

---

<sup>62</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial pp80.

<sup>63</sup>Green, R., Krause, J., Briggs, A., Maricic, T., Stenzel, U., & Kircher, M. et al. (2010). A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science* 328, pp 710-722.

<sup>64</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 71.

<sup>65</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 23.

degradación sucede tras la muerte del individuo por el que las propias bacterias que contenemos en nuestro interior ayudan a disolver los restos de nuestro ADN<sup>66</sup>.

De otro modo, la radiación que proviene del espacio degrada el ADN segmentándolo en partes cada vez más pequeñas y difíciles de analizar, esto sucede continuamente hasta cuando el portador del ADN está aún vivo, ya que la radiación cósmica o la radiación del propio sol (ultravioleta) afectan continuamente al ADN de los seres vivos.

Hay otra serie de factores de degradación que no son naturales, son provocados por los propios científicos que estudian las muestras. A estos factores los denominaremos antrópicos. Estos pueden ser la contaminación por el aire en el propio laboratorio, ya que éste contiene partículas de piel, cabello o saliva humana en suspensión y al tocar las muestras éstas pueden contaminarse; los propios reactivos con los que se analizan las muestras<sup>67</sup> pueden estar contaminados igualmente, así como el resto del material que se encuentre en el laboratorio. Durante la propia extracción de los fósiles en el yacimiento también se puede producir una contaminación de las muestras, es por ello que en algunos yacimientos, como en El Sidrón (Asturias), se adoptaron una serie de medidas anticontaminación, proveyendo a los paleontólogos de trajes estériles que cubrían su cuerpo y también de máscaras que evitaban la contaminación por vía aérea.

En cuanto a la conservación, ésta depende de la temperatura, de la acidez, de la humedad y de la luminosidad. Los climas continentales y fríos a menudo favorecen la conservación de ADN. Ese es el caso, por ejemplo, del yacimiento de la Sima de los Huesos en Atapuerca (Burgos)<sup>68</sup>.

Si durante el proceso de descomposición una parte de un cadáver se seca antes de que los procesos enzimáticos tengan lugar, pues necesitan agua, se podrán conservar restos de ADN antes de que llegue a degradarse. En huesos y dientes este proceso es más común.

Desde 1991, los científicos Erika Hagelberg y J.B. Clegg, de la Universidad de Oxford, comenzaron a extraer ADN de huesos de animales y no solamente de tejidos blandos<sup>69</sup>, lo que supuso un avance importante, al poder extraerse ADN de huesos se abrió una posibilidad para secuenciar ADN antiguo tanto de animales como de humanos extintos. Además, permitió a Pääbo y a Matthias ensayar nuevos protocolos de extracción de ADN en huesos de animales, con un menor riesgo de contaminación con ADN humano. Y si así se producía sería mucho más fácil de detectar, uno de los métodos que desarrolló fue la extracción de ADN de microorganismos con ayuda del sílice.

Con posterioridad, Felix Knauer y Pääbo lograron amplificar ADN mitocondrial extraído de las heces de los osos; con anterioridad la única manera de hacer esto con un animal era mediante la extracción de sangre con los peligros que eso conlleva si éste es

---

<sup>66</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 24.

<sup>67</sup>IBIDEM, pp 80.

<sup>68</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 72.

<sup>69</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 84.

un animal salvaje<sup>70</sup>. Así se amplió el horizonte y las posibilidades de obtener ADN en un mejor estado de conservación.

## 5. Estudio de casos

El estudio de casos se va a centrar en explicar con más profundidad cómo se ha efectuado el análisis de los fósiles y restos óseos de algunos de los episodios importantes en la historia de la paleogenética. En primer lugar hablaremos de Atapuerca, concretamente de la Sima de los Huesos, (SH) (Figura 4), ya que hasta la fecha es aquí donde se han analizado genéticamente los fósiles más antiguos. Por otra parte, hemos decidido plasmar aquí el trabajo realizado en la cueva de Denisova (Figura 4), ya que en este estudio se descubrió por primera vez un nuevo linaje a través del análisis del ADN, que de otro modo hubiera resultado imposible. Y por último, la elección del trabajo de la Braña-Arintero viene dado por la importancia que tiene en el estudio de la transición del Mesolítico al Neolítico, momento clave en la evolución técnica del ser humano. Para la exposición de los diferentes trabajos hablamos primero de la localización y características del yacimiento, posteriormente explicamos brevemente la datación y características de los restos, para después centrarnos en el grueso del trabajo, que trata sobre cómo se realiza el propio análisis, los métodos utilizados y los resultados obtenidos.



**Figura 4. Localización de una serie de yacimientos importantes para el estudio de los neandertales entre los cuales se encuentran los citados en el estudio de casos de como la SH (Burgos), Denisova (sur de Siberia) y otros durante la realización de este trabajo: Vindija (Croacia) o El Sidrón (Asturias). Fuente: <https://nutcrackerman.com/2019/10/07/paleoantropologia-novedades-3er-trimestre-2019/>**

<sup>70</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 86.





Figura 5. Panorama de los principales yacimientos del Mesolítico entre los que se encuentra el yacimiento de La Braña-Arintero (León) que analizamos en el estudio de casos. Fuente: <https://terraeantiquae.com/m/group/discussion?id=2043782%3ATopic%3A294781>

## 5.1 Atapuerca

El yacimiento de Atapuerca se encuentra en la sierra del mismo nombre, situada al norte del municipio de Ibeas de Juarros, en la provincia de Burgos. En ese gran complejo arqueológico que es Atapuerca, encontramos una serie de yacimientos, entre ellos uno denominado la Sima de los Huesos (SH), enclavado en el sistema Kárstico de la Cueva Mayor. El propio yacimiento es un eje vertical de unos 13m de profundidad, a unos 500m de la entrada actual al sistema de cuevas y localizado a unos 30m de la superficie.<sup>71</sup> Se comenzó a escavar en 1984 y desde el primer momento ya había indicio de fósiles humanos; se han encontrado al menos 6500 fósiles correspondientes a 28 individuos en un solo nivel estratigráfico. Las técnicas utilizadas para la datación del contexto dan una edad media aproximada de 430ka, siempre inferior a los 780ka<sup>72</sup>. Aparte de los restos fósiles se ha encontrado una herramienta lítica de características

<sup>71</sup>Meyer, M., Fu, Q., Aximu-Petri, A. *et al.* (2014). A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. *Nature* 505, 403–406.

<sup>72</sup>Arsuaga, J.L., Martínez, I. *et al.* (2004). Neandertal roots: Cranial and chronological evidence from Sima de los Huesos. *Science*, 344, 1358-1363.

singulares (un bifaz de cuarcita rojizo), al que se le ha atribuido un significado simbólico.

En cuanto a la investigación paleogenética, los codirectores del yacimiento, Juan Luis Arsuaga, José María Bermúdez de Castro y Eudald Carbonell junto con todo su equipo, decidieron extraer el ADN y secuenciar todo el genoma de un oso de las cavernas (*Ursus deningeri*) y presentar los resultados en la revista *Proceedings of National Academy of Science*<sup>73</sup>. Parecía evidente que las condiciones de humedad, temperatura y oscuridad eran muy favorables a la conservación del ADN.

Este trabajo animó al equipo de Atapuerca a la posibilidad de extraer y analizar ADN de los homínidos encontrados en la Sima. En el año 2013 se trabajó por recuperar y analizar el ADN mitocondrial, y posteriormente en el año 2016 se consiguió extraer y analizar el ADN nuclear; los resultados de ambos trabajos se publicaron en la revista *Nature*. Para la recuperación del ADN se eligió un fémur encontrado entre los años 1994 y 1999, se taladraron pequeños agujeros en él y se extrajo una pequeña cantidad de polvo de 1.95gr.<sup>74</sup>

La extracción del ADN mitocondrial se realizó con la técnica del sílice y la PCR y los resultados se compararon con el genoma de los neandertales, los homínidos hallados en Denisova, los chimpancés y humanos modernos. Esta comparativa reveló que estos homínidos de la Península Ibérica tenían relación filogenética relativamente estrecha con los Denisovanos de Siberia, en un principio catalogados como *Homo altaiensis*, aunque algunos científicos pensaban que se trataban de la misma especie (*Homo heidelbergensis*) que los encontrados en la SH. Es un tema que generó mucha debate en el ámbito científico, ya que los propios investigadores de Atapuerca no hablaban de *Homo heidelbergensis* como tal si no que argumentaban que los individuos de la SH se trataban de ejemplares preneandertales.

El posterior análisis del ADN nuclear en 2016 demostró que el equipo de Atapuerca estaba muy cerca de la realidad en sus afirmaciones de que los homínidos de la SH estaban muy cerca filogenéticamente con los neandertales, de hecho, son el inicio del linaje neandertal, su evolución más temprana<sup>75</sup>. Y que éstos homínidos se habían separado del linaje de los humanos actuales entre los 550ka y 765ka, demasiado atrás en el tiempo para que el ancestro común entre humanos actuales y neandertales fueran los *Homo heidelbergensis*, como algunos científicos afirmaban. También ratificó la relación entre los homínidos de la SH y los Denisovanos, que el análisis de ADN mitocondrial demostró. Un aspecto interesante es que ese ADN mitocondrial presente en ambos grupos no aparece en los neandertales posteriores, lo que puede deberse a que otro grupo aún desconocido convivió con los neandertales desde los 500ka hasta los 250ka reemplazando el ADN mitocondrial común en los dos grupos. Las evidencias

---

<sup>73</sup>Carbonell, E., & Tristán, R. (2017). *Atapuerca*. Barcelona: RBA Libros.,pp 250

<sup>74</sup>Meyer, M., Fu, Q., Aximu-Petri, A. *et al.* (2014). A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. *Nature* 505, 403–406

<sup>75</sup>Meyer, M., Arsuaga, J., de Filippo, C. *et al.* (2016). Secuencias de ADN nuclear de los homínidos de la Sima de los Huesos del Pleistoceno medio. *Nature* 531, 504–507

arqueológicas también aportan pistas a este hecho ya que han encontrado numerosas herramientas líticas del modo 2 que se extendieron desde África a Eurasia durante ese periodo y que los científicos suponen que pertenecieron a este grupo desconocido<sup>76</sup>.

## 5.2. Denisova

La región de Altai es una zona situada entre las fronteras del norte de China, el sur de Rusia, Kazajistán y Mongolia. En las montañas al noroeste de esta región, cerca del río Anui, se encuentra una cueva formada principalmente por arenisca llamada Denisova. La cueva se compone de varias galerías cortas que se extienden a partir de una cámara central. Entre estas galerías, durante los últimos 25 años se han ido descubriendo hasta hoy restos fósiles y cultura material con una datación que abarca desde el Paleolítico medio al Paleolítico superior (195ka para los restos de denisovanos más antiguos hasta los 52ka para los restos más modernos)<sup>77</sup>. Entre los restos de industria lítica, como raspadores, herramientas de talla Levallois, lascas de pequeño tamaño y algunos tipos de adornos corporales como collares óseos o de piedra, se encontró en el año 2008 un pequeño fragmento de dedo meñique.

El equipo de Anatoly Derevianko, autores del hallazgo, lo enviaron un año después a Leipzig, al instituto Max Plank para ser analizado. El equipo del Instituto Max Plank, con Pääbo a la cabeza, utilizó una fresa de dentista para extraer 30mg de polvo de hueso. El primer paso fue realizar un análisis del ADN mitocondrial de la muestra y cuando la tecnología lo hizo posible, algún tiempo después, se realizó un análisis del ADN nuclear. Para ello, fue necesaria la extracción de nuevas muestras, se utilizó la misma técnica, pero en este caso se extrajo las muestras del interior del hueso para evitar el riesgo de contaminación. Además, se aplicaron nuevos protocolos anticontaminación que trataban el daño químico<sup>78</sup>.

En cuanto al análisis del ADN mitocondrial, para sorpresa de los científicos, fue hallado una gran cantidad de éste en los 30mg de polvo de hueso, que facilitó la elaboración de un genoma mitocondrial completo del individuo. Al poder elaborar un genoma completo, resultan más eficaces las posteriores comparaciones con otros restos de neandertales y humanos actuales, así como elaborar un diagrama con las posibles relaciones filogenéticas entre estos linajes. Para llegar a unos datos sólidos y evitar confusiones o algún tipo de contaminación cruzada, se realizó un segundo análisis y se visitó el lugar nuevamente. Los resultados aportaron datos que indicaban que los

---

<sup>76</sup>Meyer, M., Arsuaga, J., de Filippo, C. *et al.* (2016). Secuencias de ADN nuclear de los homínidos de la Sima de los Huesos del Pleistoceno medio. *Nature* 531, 504–507

<sup>77</sup>Douka, K., Slon, V., Jacobs, Z. *et al.* (2009). Age estimates for hominin fossils and the onset of the Upper Palaeolithic at Denisova Cave. *Nature* 565, 640–644.

<sup>78</sup>El daño químico producido a lo largo del tiempo cambia los nucleótidos C del ADN por nucleótidos U, perdiendo parte del ADN en el proceso pero desechando a su vez la mayoría de los errores de las secuencias contaminadas. Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 322.

miembros de este linaje de la cueva de Denisova se habían separado del linaje de los neandertales y del linaje de los humanos anatómicamente modernos (HAM) algún tiempo antes de que existiera un ancestro común entre los propios HAM y los neandertales, hace al menos 1ma. Si estos datos eran ciertos, esto quería decir que se trataba de una especie diferente a los HAM y a los neandertales; ¿se trataría de *Homo heidelbergensis*, como algunos científicos apuntaban por su antigüedad?, ¿O bien de *Homo erectus*?, algunos científicos propusieron que se trataban de ejemplares tardíos de *Homo erectus* ya que los científicos suponen que algunos grupos de *erectus* asiáticos nunca perdieron el flujo génico continuo con los *erectus* africanos. Si este flujo génico habría sido constante, la divergencia en su ADN mitocondrial no sería demasiado elevada. Sin llegar a una conclusión clara, la propuesta final que realizó el grupo de Derevianko y de Pääbo fue la siguiente: serían clasificados de momento como una especie diferente: *Homo altaiensis*. Hubieron de esperar a los análisis del ADN nuclear para llegar a resultados más claros.

El ADN nuclear puso en duda algunas de las cuestiones que al ADN mitocondrial había dado por válidas. En primer lugar, se reveló que la relación filogenética entre los neandertales y este grupo de Denisova era más estrecha que entre el grupo de Denisova y los HAM, es más, este grupo de Denisova se había separado del linaje neandertal tiempo antes de que los propios neandertales se encontraran con los HAM en el levante mediterráneo. En comparativa con los HAM, se supo que el grupo de Denisova guardaba más relación con un HAM actual de Papúa Nueva Guinea que con los grupos actuales chinos, europeos o africanos. La explicación a esto estaría en las sucesivas oleadas migratorias fuera de África que los HAM realizaron en el transcurso del tiempo; es sabido que las primeras oleadas de HAM fuera de África se dirigieron al este, atravesando la Península Arábiga y siguiendo las rutas costeras del sur de Asia, sin adentrarse en el interior, hasta llegar a la Polinesia, Melanesia y Australia. Se supone que el grupo de Denisova ocuparía una extensión importante en aquellos momentos, llegando desde el sur de Siberia hasta el sur de las costas asiáticas y sería allí donde se produjeron los cruzamientos entre estos dos grupos, quedando una parte de ADN denisovano en los individuos que finalmente alcanzaron lo que hoy es Papúa Nueva Guinea. Tiempo después antes de que otras oleadas de HAM llegaran al interior de Asia, los grupos de Denisova o se habían extinguido o eran tan pocos que cuando llegaron los HAM nunca los encontraron, por lo que no se produjo nunca ese cruzamiento con el resultado de que la población china actual no posee rastro de ADN del grupo de Denisova<sup>79</sup>.

Se llegó a un acuerdo, por parte de los científicos que trabajaron en el proyecto, de que a esta población se le asignaría el nombre de “Denisovanos”, ya que la separación filogenética entre este grupo y los neandertales era muy pequeña para determinar que se

---

<sup>79</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 337.

trataba de una nueva especie, pero lo suficientemente diferente como para ponerles un nombre para referirse a ellos<sup>80</sup>.

### 5.3. La Braña

La cueva caliza de la Braña-Arintero se encuentra en la vertiente sur de la cordillera Cantábrica, muy próximo a las localidades de La Braña y Arintero, pertenecientes al ayuntamiento de Valdelugueros al norte de la provincia de León<sup>81</sup>. La entrada de la cueva es triangular, de aproximadamente 2m de altura, y conduce a una galería curva de unos 20m, allí, una pequeña pared de unos 4m de altura conduce a otra galería muy estrecha que da acceso a un pozo. A través del pozo los arqueólogos llegan a una pequeña repisa, final de otra galería, donde se encontró uno de los restos, llamado Braña-1, al descender aún más por el pozo, al final, se hallaron los restos del segundo individuo denominado Braña-2<sup>82</sup>.

La datación por radiocarbono de los restos de los individuos nos aporta una edad aproximada de unos 7ka<sup>83</sup> para los dos individuos, un tiempo que corresponde al Mesolítico avanzado. La Braña-1 no presentan restos arqueológicos asociados, pero los arqueólogos suponen que por la colocación del individuo en la cavidad, el lugar elegido, la disposición del cuerpo y la delimitación del espacio, este tendría un carácter funerario, aunque sin evidencias de inhumación. La braña-2 por otra parte, presenta una desconexión anatómica total, los arqueólogos suponen que puede deberse a distintos factores: la acción de animales, la de visitantes de la cueva que en primera instancia descubrieron los restos o a la acción del agua al llenarse el pozo, que permitiría la flotación de los restos y su desconexión<sup>84</sup>. A este individuo, al contrario que en el caso de la Braña-1 se le asocia un conjunto de 24 caninos atróficos perforados de ciervo, relativamente comunes en contextos del Pleistoceno Superior<sup>85</sup>, lo que ayuda a datar y contextualizar el yacimiento. Los arqueólogos que en el año 2006 trabajaron en la extracción de los restos fueron el grupo de Julio Manuel Vidal Encinas y María Encina Prada Marcos, que posteriormente, en el año 2011 trabajarían con Carles Lalueza Fox en el análisis de ADN de estos individuos.

En el 2011, el investigador Carles Lalueza-Fox se traslada a León para extraer algún fragmento de estos dos individuos especialmente bien conservados gracias a las bajas temperaturas que en general se dan en la zona, lo que constituía una oportunidad única

---

<sup>80</sup>Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial, pp 337.

<sup>81</sup>Vidal Encinas, J., Prada Marcos, M., & Arias Cabal, P. (2010). *Los hombres mesolíticos de la cueva de La Braña-Arintero (Valdelugueros, León)*. [Valladolid]: Consejería de Cultura y Turismo, pp20.

<sup>82</sup>IBIDEM, pp 20.

<sup>83</sup>IBIDEM, pp 34.

<sup>84</sup>IBIDEM, pp 31.

<sup>85</sup>IBIDEM, pp 31.

para la extracción de ADN. La tecnología en estos momentos permitía un análisis de ADN mitocondrial y eso fue lo que se hizo cuando Lalueza-Fox volvió a su laboratorio. Los resultados tras el análisis por PCR de las muestras de ADN mitocondrial fueron buenos, ya que mostraban poca contaminación y las secuencias eran similares a otros restos de origen mesolítico, en este caso correspondían al linaje o Haplogrupo U5. Hasta esa fecha los restos mesolíticos analizados eran 27, de los que el 44% correspondía al linaje U5, mientras que el resto son del linaje U4. En la actualidad, estos dos linajes aún siguen vivos, pero solo representan el 5% de la población actual, mientras que la mayoría de los europeos actuales, alrededor del 40%, corresponden al linaje H, ausente en los cazadores mesolíticos por lo que se cree que este linaje entró en Europa con posterioridad<sup>86</sup>. El siguiente paso consistió en secuenciar y analizar el ADN completo, para sí poder compararlo con otros individuos de otros estudios. Un primer resultado mostró que los individuos de La Braña estaban más estrechamente relacionados con individuos pertenecientes a poblaciones del norte de Europa y no tanto a los pobladores actuales de la Península Ibérica. Para ello se realizaron comparaciones de las variantes genéticas de los individuos de La Braña con las poblaciones europeas actuales tal y como hicieron otros científicos como Mattias Jakobsson<sup>87</sup>.

Otro resultado interesante fue el descubrir que un individuo de La Braña tenía los ojos azules, siendo el individuo más antiguo descrito con este fenotipo. Además posee las variantes africanas en los genes que pigmentan la piel, es decir, no se trataba de un individuo de tez clara y de ojos azules como cabría suponer, sino que poseía una piel oscura. Estas características fenotípicas parecidas a otros individuos de fuera de Europa pero a su vez con una genética similar a la de los escandinavos actuales, hizo que se transformara la noción que poseían los científicos sobre el Mesolítico y el Neolítico en Europa; en primer lugar, porque abrió un nuevo abanico de posibilidades para el estudio de las sucesivas oleadas migratorias que llegaron a Europa, sobre quién las protagonizó, cuándo y cómo se hicieron. Por otra parte, hizo cambiar las ideas preconcebidas que se podrían tener sobre la apariencia física de estos primeros europeos y también afectó a lo que se sabía sobre la evolución de la pigmentación de la piel de los europeos.

Además de esto, se analizaron los genes relacionados con el sistema inmunitario, se sabe que durante la transición del Mesolítico al Neolítico se produjo la domesticación de las distintas especies de animales que cambiaron la vida del ser humano para siempre. En este proceso de sedentarismo y domesticación se dieron una serie de epidemias que se cree que fueron provocadas por el contacto tan directo con los animales, a saber: la gripe o la tuberculosis son algunos ejemplos<sup>88</sup>. El sistema inmunitario y los genes ya estaban desarrollando las diferentes adaptaciones para

---

<sup>86</sup>Los Haplogrupos, sin entrar en mucho detalle, representan singularidades en el genoma de los individuos que pueden usarse para establecer diferentes poblaciones. Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 22.

<sup>87</sup>IBIDEM, PP 28. En el año 2012 Mattias y su equipo publicaron en *Science* datos genómicos de 4 individuos datados aproximadamente hace 5000 años.

<sup>88</sup>IBIDEM, pp 41.

proteger al organismo de estas enfermedades durante el Mesolítico, la duda está en si estas enfermedades afligían solo a los cazadores-recolectores presentes en aquella época en Europa o si estos habían recibido los patógenos procedentes de animales domesticados antes de la llegada de los agricultores de las zonas del levante mediterráneo. Estas enfermedades y cambios producidos durante la transición Mesolítico-Neolítico es conocida por los científicos como zoonosis.<sup>89</sup>

Otra cuestión importante es que estos individuos mostraban intolerancia a la lactosa. Sabemos que con la llegada del Neolítico y la posibilidad de suplementar la dieta con la leche de los animales domésticos, provocó en los europeos una mutación de un gen cercano al LPH que permite el funcionamiento de la enzima que permite la digestión de la lactosa.

La comparación con otros estudios aportó datos importantes, un ejemplo es el caso con el niño de Mal'ta (este de Siberia), datado hace 24ka procedente de un yacimiento donde se encontraron diversos habitáculos semisubterráneos, en los cuales habían empleado huesos de animales para los cimientos y pieles de animales a modo de techo para ofrecer un resguardo contra el frío y los elementos. Además, ligado a este yacimiento han aparecido las figuras antropomórficas conocidas como Venus, representaciones del cuerpo femenino, localizadas en una amplia zona de Eurasia<sup>90</sup>. A parte de estos marcadores culturales como son las Venus, la comparativa de ADN del yacimiento de Mal'ta<sup>91</sup> y de la Braña-Arintero muestra semejanzas, lo que podría indicar un sustrato de población común de cazadores-recolectores que habitaron por toda Eurasia desde el Paleolítico superior hasta el Neolítico.

## 6. Conclusiones

La Paleogenómica se ha mostrado como una herramienta extremadamente potente, con una gran capacidad de ampliar nuestro conocimiento sobre la evolución humana, pero éste conocimiento siempre será parcial. Es una cuestión matemática ya que jamás podremos analizar el ADN de los millones de personas y de otros seres humanos que vivieron en el planeta. Por otra parte, nuestra herencia genética actual proviene de una parte muy pequeña de humanos modernos que vivieron hace tan solo 10ka<sup>92</sup>, lo que representa una pequeña fracción de los habitantes del planeta y no permitirá jamás alcanzar una fiabilidad absoluta en todos los resultados, pero sí que nos dará unas aproximaciones valiosas y muy cercanas al pasado.

---

<sup>89</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp45.

<sup>90</sup>IBIDEM, pp 48.

<sup>91</sup>Este individuo es uno de los ejemplares tipo del grupo de los *Ancient North Eurasians*

<sup>92</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 167.

Otra cuestión importante girará en torno a la superación y el contraste de algunas de las hipótesis que la arqueología y la antropología nos han planteado hasta el momento, hay muchas cuestiones sobre nuestra evolución aún pendientes de resolver. La historia de esta nueva rama de la ciencia es relativamente corta, comienza en 1859 con la publicación de *El origen de las especies* por parte de Charles Darwin, donde se sientan una serie de bases teóricas que otros científicos han ido ampliando a través de sus experimentos y nuevas teorías; desde los experimentos de Mendel cruzando guisantes, junto con Crick que descubre la propia estructura del ADN y hasta Sanger que logra secuenciar el genoma de un Virus en 1977. Es a partir de los años 1980 cuando se comienzan a desarrollar las técnicas y las plataformas informáticas de secuenciación de genes que tenemos hoy en día. Gracias a ello el avance ha sido exponencial, pues se han secuenciado decenas de genomas de animales y posteriormente de seres humanos vivos o ya extintos. El nombre destacado de esta época es Svante Pääbo, verdadero pionero de la paleogenética, pues con él, aunque también gracias a muchos otros científicos, se empezaron a realizar los primeros estudios sobre los homínidos. Algunos ejemplos importantes son los trabajos realizados en Vindija (Croacia), en el Sidrón (Asturias), Atapuerca (Burgos), Denisova (Rusia) y en La Braña (León).

Gracias a estos estudios y a otros, hemos aprendido mucho de nuestra historia temprana y de algunas de las poblaciones humanas del pasado como los neandertales. En el contexto de estos estudios sobre los neandertales se secuenciaron 5 genomas de humanos completos: un sudafricano que pertenece al grupo San, un africano de la tribu Yoruba, un chino Han, un Papú neoguineano y un francés. Los estudios paleogenéticos revelan que los neandertales están más estrechamente relacionados con los humanos actuales de fuera de África que con los africanos<sup>93</sup>, aproximadamente entre el 1% y el 4% del genoma de las personas en Eurasia y de regiones tan lejanas como Papúa Nueva Guinea deriva de los neandertales. Lo que sugiere que hubo cruzamiento entre humanos actuales y neandertales, y que éste ocurrió mucho antes de la divergencia entre los europeos, asiáticos orientales o los papúes. Todos estos datos son compatibles con el registro arqueológico, que nos indican que los humanos modernos aparecieron en Oriente Medio hace aproximadamente 100ka y que coincidieron con los Neandertales hasta hace aproximadamente 40ka<sup>94</sup>.

Del mismo modo, en los experimentos de la cueva de Vindija y de Denisova se descubrieron más procesos de hibridación entre humanos modernos, Neandertales y Denisovanos (como sabemos, un 2% del genoma de humanos modernos no africanos es Neandertal así como que el 4% de los genes de aborígenes australianos es Denisovano)<sup>95</sup>. Esto se podría explicar por diversos motivos: en primer lugar, porque los humanos

---

<sup>93</sup>Green, R., Krause, J., Briggs, A., Maricic, T., Stenzel, U., & Kircher, M. et al. (2010). A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science*, 328 710-722. (5979)

<sup>94</sup>IBIDEM.

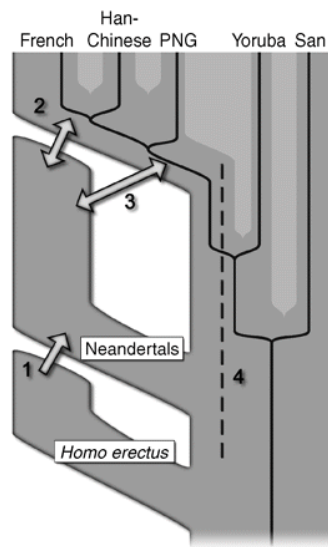
<sup>95</sup>Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revista de Difusió De La investigació* 8, 91-97.



anat6micamente modernos no somos exactamente una especie biol6gica sino una especie paleontol6gica; porque que la hibridaci6n es un proceso m1s com1n de lo que se creía, que pudo darse desde hace millones de a1os, por lo que presenta un desafío para los modelos tradicionales que explican nuestra historia temprana, los llamados *out of Africa* o MOAR y el Modelo multiregional.

Para intentar explicar esta primera fase de nuestra evoluci6n, los científcos han ido elaborando varios escenarios posibles para entender este flujo genético que ocurri6 en los primeros momentos de nuestra evoluci6n como *Homo sapiens* (Figura 6).

1. Flujo de genes desde otros homínidos arcaicos -*Homo erectus*- dando lugar a partes del genoma neandertal con una divergencia muy alta respecto a humanos actuales.
2. Flujo genético entre neandertales tardíos y humanos modernos tempranos en Europa y/o Asia occidental. No existe intercambio genético entre los neandertales y las poblaciones humanas asentadas en África. No se ha apreciado aunque pudo darse este flujo genético, aunque los científcos afirman que no existiría rastro si se hubiera producido.
3. Escenario bidireccional. El intercambio genético tampoco ocurri6 con los antepasados de los africanos actuales.
4. Una gran masa de poblaci6n y genes en África persistió desde el tiempo del origen de los neandertales hasta que los ancestros de los no africanos abandonaron África, llevando con ellos ese material genético.



**Figura 6. Escenarios de posible flujo genético en los cuales los neandertales estuvieron involucrados, así como los humanos modernos. Green, R., Krause, J., Briggs, A., Maricic, T., Stenzel, U., & Kircher, M. et al. (2010). A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science*, 328**

Por otra parte hay otra serie de cuestiones que la Paleogenética nos ayuda a entender, entre ellas están la evolución, el funcionamiento y el significado de los genes. Algunos ejemplos de estos genes son: los que codifican aspectos metabólicos, morfológicos y cognitivos, por ejemplo, el gen TRPM1, relacionado con la pigmentación de la piel, el gen THADA, asociado a la diabetes tipo II, o el AUTS2 que codifica una proteína relacionada con el cerebro y asociado a casos de autismo. Muchos de estos descubrimientos pueden tener un valor incalculable para la medicina moderna<sup>96</sup>. En cuanto a los genes que intervienen en la cognición, la capacidad y morfología craneal, los estudios genéticos revelan que provienen de homínidos del Pleistoceno y han sido muy importantes en la evolución de los humanos modernos actuales.

La paleogenética también aporta pistas importantes en cuanto a la variabilidad genética, extensión en el espacio y migración de las poblaciones del pasado. Como ocurre con los humanos actuales, los neandertales poseían poca variabilidad genética y estaban muy diseminados por el territorio, como en nuestras primeras etapas de la evolución como humanos modernos. Además, sabemos que los cambios en la distribución geográfica de los neandertales fueron debidos principalmente a las extinciones locales y no a las grandes migraciones buscando territorios más cálidos como se creía<sup>97</sup>.

La paleogenómica también nos ayuda a entender la prehistoria europea durante la transición del Mesolítico al Neolítico (y también otras fases de la historia reciente), los cambios evolutivos en cuanto a la pigmentación, la dieta, el metabolismo o los tipos de enfermedades que poseían nuestros antepasados europeos<sup>98</sup>. También evidenciará como se dieron las sucesivas oleadas migratorias, quiénes fueron los protagonistas de las diversas culturas arqueológicas que conocemos y de las lenguas que hablamos hoy en día.

En un primer momento en la Prehistoria de Eurasia, hablaríamos de dos grandes grupos de población: los *East Eurasians* y los *West Eurasians* (provenientes de un primer pulso migratorio ocurrido hace alrededor de 60ka)<sup>99</sup>, que a su vez se diversificaron en otro grupo conocido como los *Ancient North Eurasians*, representados por el individuo de Mal'ta del que hablamos con anterioridad. Aunque aún es pronto para conocer con certidumbre todas las dinámicas migratorias, los científicos intuyen que existió una mayor diversidad genética hace alrededor de 40ka que la que existió después, a partir del Último Máximo Glacial. Hace aproximadamente 40ka, las poblaciones en Europa vivían muy alejadas unas de otras en un vasto territorio, lo que favoreció la aparición de singularidades genéticas locales.

---

<sup>96</sup>Rosas González, A. (2016). *La evolución del género humano "Homo"*. Madrid: CSIC

<sup>97</sup>Hublin J., J. 2009. *The origin of Neanderthals*. PNAS, 16022-16027

<sup>98</sup>Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revista de Difusió De La investigació*. Mètode science Studies journal 8. 91-97

<sup>99</sup>Rosas González, A. (2016). *La evolución del género humano "Homo"*. Madrid: CSIC, pp 123.

El Último Máximo Glacial (20ka) llevó en parte a la desaparición de la diversidad genética existente en aquel momento, ya que obligó a los grupos de humanos a refugiarse en el sur del continente. A medida que remitió el frío y que avanzó el tiempo los grupos existentes en ese momento migraron de nuevo al norte homogeneizándose en parte el panorama genético. Por eso se conoce que existió un sustrato poblacional común en Eurasia desde el Paleolítico superior hasta el Neolítico, que se vio enriquecido con la entrada de nuevas poblaciones desde Oriente Próximo. Para resumirlo mucho, durante la fase final del Paleolítico en Europa, hablaríamos de un conjunto complejo de migraciones Norte-Sur por motivos climáticos, y de unas migraciones Este-Oeste de nuevas culturas y grupos humanos como los agricultores o también llamados *Early European farmers*, uno de los distintos grupos que poblaron el creciente fértil.<sup>100</sup>

La llegada de estos grupos supuso el fin del tipo de vida de caza y recolección que los humanos habían practicado durante decenas de miles de años, domesticando animales y vegetales, y que transformaron con el tiempo la vida de los grupos con los que entran en contacto. Por una parte estos agricultores recorren las costas sur de Europa, originando la cultura que se denomina de cerámica cardial y por otra, viajando a través del centro de Europa formando la cultura conocida como LBK. En general, durante esta primera fase del Neolítico se mantuvo una relativa uniformidad genética en Europa, pero todo cambió con la llegada de los pastores nómadas de las estepas, cuestión en la que no entraremos a analizar ya que sobrepasa los límites de nuestro trabajo.

Lo que conviene mencionar para finalizar es la importancia de estos estudios genéticos, no solo para establecer las distintas filogenias entre linajes o especies, sino también para conocer las vicisitudes de los distintos grupos de los que nosotros hoy, somos herederos. También es importante para conocernos a nosotros mismos y ampliar nuestra perspectiva sobre otros seres humanos no tan distintos a nosotros y por supuesto en parte, para combatir y conocer aquellas enfermedades que nos han afectado lo largo de nuestra historia. En definitiva, para mejorar nuestra existencia.

---

<sup>100</sup>Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona: Edicions de la Universitat de Barcelona, pp 169.

## Bibliografía

- Arsuaga, J., & Cid, S. (2019). *Vida, la gran historia*. Barcelona. Destino.
- Arsuaga, J.L., Martínez, I. et al. (2004). *Neandertal roots: Cranial and chronological evidence from Sima de los Huesos*. *Science*, 344, 1358-1363
- Bermúdez de Castro, J. M, (2013). *Un viaje por la prehistoria*. Madrid. Ed. Akal
- Carbonell, E., & Tristán, R. (2017). *Atapuerca*. Barcelona. RBA Libros.
- Douka, K., Slon, V., Jacobs, Z. et al. (2009). Age estimates for hominin fossils and the onset of the Upper Palaeolithic at Denisova Cave. *Nature* 565, 640–644. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0870-z>
- Green, R., Krause, J., Briggs, A., Maricic, T., Stenzel, U., & Kircher, M. et al. (2010). A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science*, 328(5979), 710-722. <https://doi.org/10.1126/science.1188021>
- Hajdinjak, M., Fu, Q., Hübner, A. et al. (2018) Reconstructing the genetic history of late Neanderthals. *Nature* 555, 652–656. <https://doi.org/10.1038/nature26151>
- Henderson, M. (2010). *50 cosas que hay que saber sobre genética*. Barcelona. Ariel
- Hublin, J.J. (2009). *The origin of Neanderthals*. PNAS, 16022-16027 [https://www.pnas.org/content/106/38/16022?ijkey=e9972179cc786baba1b38e6e2a5e4ba8c852a3c9&keytype=tf\\_ipsecsha](https://www.pnas.org/content/106/38/16022?ijkey=e9972179cc786baba1b38e6e2a5e4ba8c852a3c9&keytype=tf_ipsecsha)
- Lalueza i Fox, C. (2018). *La forja genética de Europa*. Barcelona. Edicions de la Universitat de Barcelona.
- Lalueza-Fox, C. (2017). A brief history of palaeogenomics: How a young discipline revolutionised the study of the past. *Mètode Revistade Difusió De L'investigació*. *Mètode science Studies journal* 8, 91-97. 0(8). doi: 10.7203/metode.8.9226
- Meyer, M., Arsuaga, J., de Filippo, C. et al. (2016). Secuencias de ADN nuclear de los homínidos de la Sima de los Huesos del Pleistoceno medio. *Nature* 531, 504–507. <https://doi.org/10.1038/nature17405>
- Meyer, M., Fu, Q., Aximu-Petri, A. et al. (2014). A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. *Nature* 505, 403–406 <https://doi.org/10.1038/nature12788>
- Pääbo, S. (2015). *El hombre de Neandertal*. Madrid: Difusora Larousse - Alianza Editorial.
- Rasilla Vives, M. (Ed.) (2013). *F. Javier Fortea Pérez : Universitatis Ovetensis Magister*. Asturias: Ménsula.

Reich, D., Green, R.E, Kircher, M., Krause, J., Patterson, N., Durand, E.Y., Viola, B., Briggs A.W., Stenzel, U., Johnson, P.L.F., Maricic, T., Good, J.M., Maruques-Bonet, T., Alkan, C., Fu, Q., Mallick, S., Li, H., Meyer, M., Eicheler, E.E., Stoneking, M., Richards, M., Talamo, S., Shunkov, M.V., Derevianko, A.P., Hublin, J.J., Kelso, J., Slatkin, M., Pääbo, S. (2010). ). Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* 468, pp. 1053- 1060

Rosas González, A. (2016). *La evolución del género humano "Homo"*. Madrid: CSIC.

Rosas, A. (2019). *Los fósiles de nuestra evolución*. Barcelona: Ariel.

Silva,P.G., Bardají,T., Roquero, E., Baena, J., Cearreta, A., Rodríguez-Pacua, M. A., Rosas, A., Zazo, C., Goy, J. L., (2017). El periodo Cuaternario: La historia Geológica de la Prehistoria. *Cuaternario y Geomorfología*, 31 (3-4): 113-154 [file:///C:/DATOS/descargas/CyG\\_31\\_3y4\\_periodo.pdf](file:///C:/DATOS/descargas/CyG_31_3y4_periodo.pdf)

Vidal Encinas, J., Prada Marcos, M., & Arias Cabal, P. (2010). *Los hombres mesolíticos de la cueva de La Braña-Arintero (Valdelugueros, León)*. [Valladolid]: Consejería de Cultura y Turismo.

